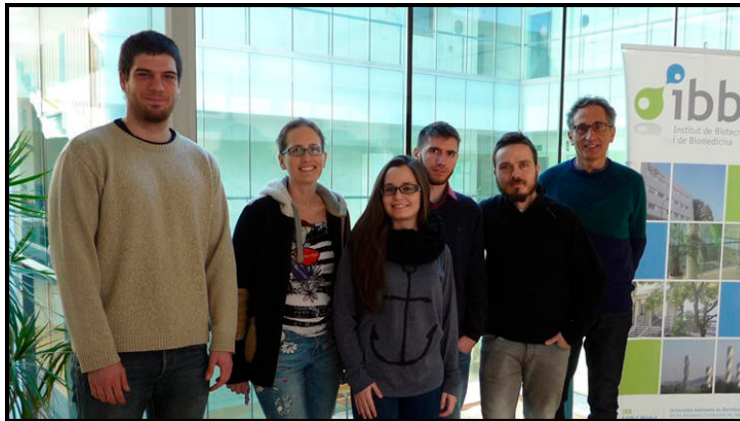


24/01/2018

Tracen el primer mapa de l'adaptació i la selecció natural de l'anatomia completa d'un embrió



El grup de recerca Bioinformàtica de la Diversitat Genòmica de la UAB, en col·laboració amb el grup de Biologia Evolutiva del Desenvolupament de la Universitat d'Hèlsinki, ha aconseguit cartografiar el primer mapa de l'adaptació i la selecció natural de l'anatomia completa de l'embrió de la mosca de la fruita, l'espècie *Drosophila melanogaster*. Els autors han seguit una aproximació original que integra macrodades de variació genòmica, d'expressió gènica i del desenvolupament embrionari en aquesta espècie model de la recerca genètica.

El Grup de Bioinformàtica de la Diversitat Genòmica. Marta Coronado (primera coautora del treball, 3^a d'esquerra a dreta), David Castellano (5^o) i Antonio Barbadilla (Investigador Principal).

La teoria de l'evolució de Charles Darwin proposa que les adaptacions dels organismes sorgeixen com a conseqüència del procés de selecció natural. Les estructures, funcions o conductes complexes que tant ens fascinen dels éssers vius resulten de la supervivència i reproducció diferencial que atorguen als organismes que les porten. Difícilment Darwin podria haver imaginat que un dels exemples més sorprenents del poder de la selecció natural provindria de l'anàlisi de les seqüències genòmiques. La selecció natural deixa una marca característica en els patrons de variació genètica que poden detectar-se mitjançant sofisticats mètodes teòrics i

estadístics d'anàlisi genòmica. Avui podem inferir l'acció de la selecció natural en el genoma i fins i tot quantificar quina proporció de les noves variants genètiques que incorpora una espècie són adaptatives, conseqüències de la selecció natural. En un treball previ publicat en la revista *Nature* (vegeu [ressenya](#)), els autors van traçar el primer mapa d'alta resolució de la selecció natural d'un genoma i van demostrar que la selecció natural és ubíqua, omnipresent en el genoma de la mosca de la fruita *D. melanogaster*. Entre el 30 i 50% de les mutacions que s'incorporen al genoma d'aquesta espècie són adaptatives, rebatent la visió prèvia sostinguda per la teoria neutralista de l'evolució genètica del japonès Motoo Kimura, qui proposava que la immensa majoria de les mutacions que diferencien les espècies són selectivament neutres, sense valor adaptatiu.

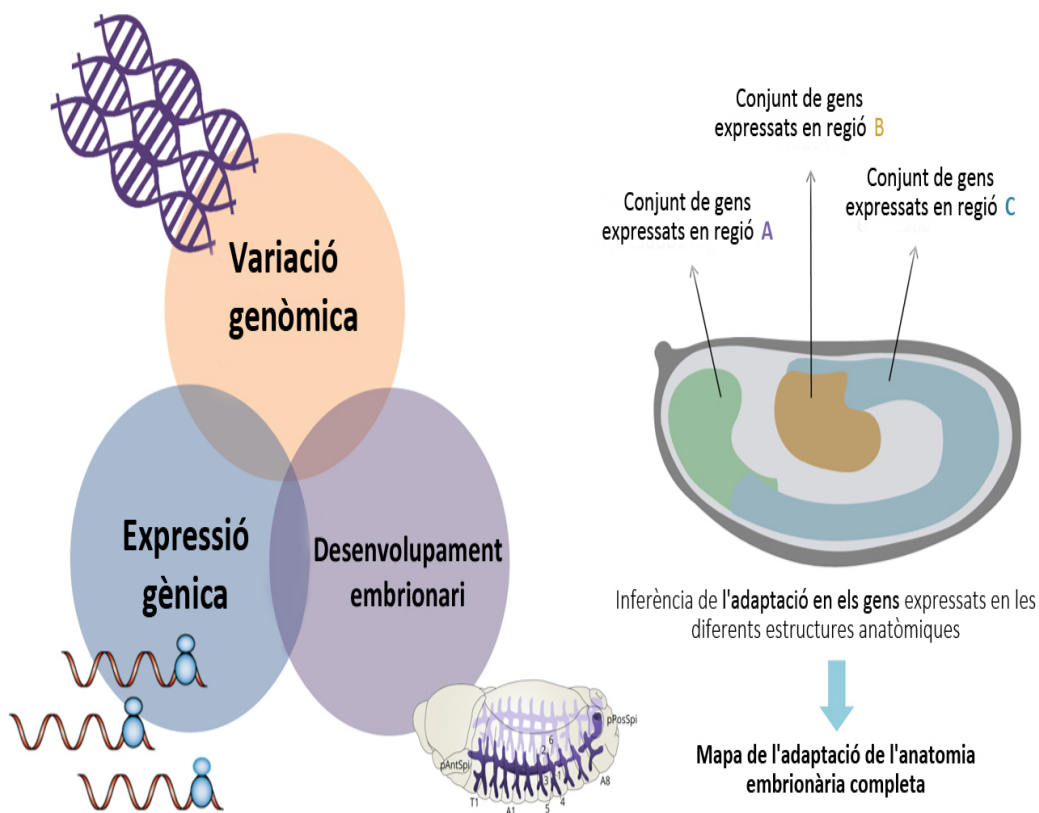
La selecció actua primàriament sobre les propietats fenotípiques dels organismes i només en la mesura en què aquestes propietats són heretables, actua secundàriament sobre el genotip. La revolució genòmica ha conduït a l'actual situació paradoxal en la qual disposem més informació sobre la selecció en el genoma que sobre el fenotip de l'organisme. Cap estudi previ ha estudiat l'acció de la selecció en el conjunt del fenotip d'un organisme ni ha integrat tots dos nivells de selecció a escala genòmica. L'objectiu d'aquest treball era precisament dur a terme aquesta integració global selecció-fenotip-genotip, específicament traçar un mapa exhaustiu de la selecció que actua sobre l'anatomia embrionària completa de l'espècie *D. melanogaster*.

Partíem de tres capes d'informació òmiques que s'havien obtingut i analitzat amb finalitats dispars i que ara ens disposàvem a integrar. La primera capa són les dades de variació genòmica en *D. melanogaster* que havíem analitzat prèviament i demostrat l'omnipresència de la selecció. D'altra banda, el projecte *Berkeley Drosophila Genome* (BDGP) havia generat una base de dades d'expressió de gens en aquesta mateixa espècie amb dues fonts d'informació: (i) els nivells d'expressió durant l'*embriogènesi* de vuit mil gens mitjançant la tècnica d'hibridació de RNA *in situ* d'altres prestacions i (ii) una informació precisa de les regions anatòmiques on s'expressaven els gens, recopilades en més de 120.000 fotografies, que categoritzem en 18 termes anatòmics tals com sistema nerviós, línia germinal, epidermis, sistema circulatori,... al llarg de sis estadis del desenvolupament embrionari.

En disposar d'aquestes tres capes d'informació ens plantejem les següents preguntes, quin és el correlat anatòmic de tota l'evidència de selecció detectada en el genoma?, és a dir, es troba l'adaptació molecular distribuïda a l'atzar pel que fa a diferents trets com òrgans o parts morfològiques del cos? Hi ha algunes estructures anatòmiques amb majors taxes d'evolució que d'altres? Per construir un mapa de l'adaptació sobre l'anatomia completa de l'embrió partim del supòsit simplificador que l'adaptació fenotípica (anatòmica en el nostre cas) pot inferir-se a partir de l'adaptació dels gens que s'expressen en les diferents parts corporals. De la primera capa, la informació genòmica, es va obtenir les dades de variació de tots els gens dels quals es disposava informació i es va quantificar la selecció, tant adaptativa com purificadora, que actua sobre cadascun d'ells. D'aquesta manera assignem a cada posició de l'espai embrionari o estructura morfològica el valor mitjà d'adaptació i selecció dels valors dels gens allí expressats, obtenint-se un mapa de calor de la selecció positiva i negativa a l'espai embrionari. Es va aconseguir recaptar dades de

variació genètica, d'expressió gènica i de localització embrionària d'aproximadament 5.000 gens.

El mapa de la selecció en l'embrió de *D. melanogaster* indicava que els òrgans derivats de l'ectoderma estan sotmesos a constrenyiment selectiu, en concret el sistema nerviós i el sistema digestiu. Els òrgans derivats de la mesoderma experimenten una major selecció positiva o adaptativa, en concret, la gònades i el sistema immune. Finalment es va observar que els gens que s'expressen en una o poques estructures anatòmiques són evolutivament més joves i amb majors taxes d'evolució, al contrari que els gens que s'expressen en totes o en gairebé totes les estructures.



Esquema de l'enfocament utilitzat per cartografiar l'adaptació i la selecció natural en l'anatomia completa d'un embrió que integra la variació del genoma, dades d'expressió gènica i informació espacial i temporal del desenvolupament embrionari.

Aquest treball s'ha publicat aquest mes de gener en la prestigiosa revista *Molecular Biology and Evolution*.

Dr. Antonio Barbadilla, Marta Coronado

Departament de Genètica i Microbiologia

Institut de Biotecnologia i de Biomedicina

Universitat Autònoma de Barcelona

antonio.barbadilla@uab.es

Referències

[View low-bandwidth version](#)